

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MAMONEIRA POR CARACTERES MORFOLÓGICOS E MOLECULARES

MÁIRA MILANI¹, FABIANNE VASCONCELOS DANTAS² e WALTER FABRÍCIO SILVA MARTINS²

RESUMO: A mamona (*Ricinus communis* L.) é uma espécie com grande variabilidade genética, aspecto essencial para o melhoramento genético em plantas. Esta variabilidade pode ser armazenada nos Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs). Este trabalho objetivou avaliar a divergência genética de 32 acessos do BAG de Mamona da Embrapa Algodão, a partir de marcadores morfológicos e moleculares. A caracterização das sementes foi realizada antes do plantio para: padrão de cor, cor primária e secundária, comprimento, largura, espessura, formato e peso. Para avaliação das características das plântulas, avaliou-se: pigmentação de antocianina no hipocótilo, cerosidade no hipocótilo, número de dias para germinação, número de dias após plantio para emissão das folhas primárias e comprimento de raiz aos 50 dias após plantio. Para avaliação molecular foi utilizada a técnica de RAPD. Verificou-se que os acessos avaliados mostraram diferenças entre si tanto com o uso de marcadores morfológicos quanto com o uso de marcadores moleculares. Há convergência entre os resultados obtidos por marcadores morfológicos e moleculares para os acessos e métodos avaliados.

Termos para indexação: *Ricinus communis* L., distância genética, RAPD

GENETIC DIVERGENCE AMONG CASTOR BEAN GENOTYPES BY MORFOLOGIC AND MOLECULAR CHARACTERS

ABSTRACT: Castor bean (*Ricinus communis* L.), an essential aspect for genetic enhancement in plants, is a crop with great variability, which can be stored in the Gene Banks (BAGs). The aim of this study was to evaluate the genetic divergence of 32 accesses of Mamona BAG's s from Embrapa Algodão, by gene and morfologic. The seed characterization was performed before the planting, considering color standard, primary and secondary color, length, dimension, thickness, shape and weight. To analyze the plantule characteristics, hypocotyl antocianin pigment, waxy hypocotyls, germination period, sprouting period of primary leaves after the planting and root length 50 days after planting were evaluating. As for the molecular evaluation, it was used the RAPD technique. According to the study, the accesses evaluated presented differences among themselves with both the use of morphological markers and molecular markers; the methodologies used were effective in representing the distance among the genotypes evaluated; the divergence quantification with molecular and morphological markers comprises the accesses enabling the construction of distinct groups. There is, however, convergence in the results obtained through morphological and molecular markers concerning the accesses and the methods evaluated.

Index terms: *Ricinus communis* L., genetic distance, RAPD

INTRODUÇÃO

A mamoneira é uma planta com grande variabilidade genética, aspecto essencial para o melhoramento genético em plantas. O

¹Embrapa Algodão, Rua Osvaldo Cruz 1143, Centenário, CEP: 58428-095, Campina Grande, PB, maira@cnpa.embrapa.br;

²Universidade Estadual da Paraíba, Rua Baraúnas, 351 - Bairro Universitário, CEP 58429-500, Campina Grande, PB, fabiannevdantas@hotmail.com; walterfsm@yahoo.com.br

conhecimento da natureza e da variabilidade genética da planta são fundamentais para o sucesso de um programa de melhoramento da cultura (LAKSHAMAMMA et al., 2005). Esta variabilidade pode ser armazenada nos Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs), onde os acessos são rotineiramente usados para propósitos de pesquisa, caracterização, avaliação e utilização de materiais (TREUREN et al., 2009).

A caracterização dos BAGs permite avaliar a divergência genética entre um grupo de progenitores, possibilitando a previsão de combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, de tal forma, que em suas gerações segregantes tenham maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Segundo Milach (1999), a avaliação da diversidade genética da planta pode ser feita pelo fenótipo com marcadores morfológicos (características com alta herdabilidade) e com marcadores genéticos. Para Cruz e Carneiro (2006), a divergência genética fornece informações das cultivares por meio de medidas de dissimilaridade apresentando subsídios para os programas de melhoramento. As medidas de dissimilaridade obtidas com variáveis quantitativas permitem identificar genitores de bom desempenho a serem utilizados nas técnicas de hibridação, informando o grau de semelhança ou de diferença dos genótipos. Esses estudos de diversidade genética podem ser usados entre acessos, entre populações, dentro de populações e entre e dentro de populações (CRUZ, 2008).

Em mamona, há pouca informação sobre este tipo de estudo. Laksmamma, Reddy e Mohan (2002) avaliaram a divergência genética em 68 genótipos de mamona, baseados em 16 características morfológicas. Os autores verificaram a formação de 10 grupos e 26 subgrupos. Bahia et al. (2008) verificaram

divergência genética em 5 cultivares de mamona utilizadas na região do Recôncavo Baiano.

Objetivou-se com esse trabalho, avaliar a divergência genética de 32 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mamona da Embrapa Algodão (BAG Mamona), a partir de marcadores morfológicos e moleculares.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 32 acessos de mamona (*Ricinus communis* L.) do Banco de Germoplasma (BAG) da Embrapa Algodão, Campina Grande, PB.

Os ensaios foram conduzidos nas dependências da Embrapa Algodão em Campina Grande - PB. A caracterização das sementes antes do plantio foi realizada na sala de preparo de ensaios do Melhoramento Genético. A caracterização e a obtenção das plântulas para realização da análise molecular foram realizadas em telado com tela anti-afídeos, cobertura de plástico leitoso sem sombreamento, irrigação diária e temperatura média de 30 °C, variando entre 23 °C e 45 °C durante o dia. A análise molecular foi realizada no Laboratório de Biotecnologia.

Os acessos avaliados estão apresentados na Tabela 1. Ressalta-se que, à exceção da BRS Energia e os demais acessos foram recebidos por intercâmbio do GRIN/USDA e as origens citadas referem-se ao material original recebido pelo banco de germoplasma americano.

A caracterização das sementes foi realizada antes do plantio, em amostras de 50 sementes de cada acesso, sendo 5 repetições de 10 sementes cada. Para medidas das sementes, como comprimento, largura e espessura, foi utilizado paquímetro digital da marca Digimatic® LCD Readout e para peso de semente foi utilizada balança digital com precisão de 3 casas decimais.

TABELA 1. Genótipos do Banco Ativo de Germoplasma de mamona utilizados para a caracterização morfológica e molecular e respectivas origens.

Acesso	Origem	Acesso	Origem
BRA 3000	Brasil	BRA 10537 B	Turquia
BRA 4561 A	Brasil	BRA 10596 B	Índia
BRA 4502 A1	Brasil	BRA 10791 B	Índia
BRA 4502 B	Brasil	BRA 10863 B	Índia
BRA 5762 A	Brasil	BRA 10332 A	Paraguai
BRA 7919	Brasil	BRA 10499 A	Índia
BRS ENERGIA	Brasil	BRA 10375 A1	Turquia
BRA 10863 A	Índia	BRA 10341 A	Brasil
BRA 10723 B	Índia	BRA 10715 B	Índia
BRA 10634 A2	Índia	BRA 10901 B	Índia
BRA 10405 A	Turquia	BRA 10669 B	Índia
BRA 10651 C	Índia	BRA 10707 B	Índia
BRA 10472	Turquia	BRA 11037 A1	Jamaica
BRA 10421 B	Turquia	BRA 11061	Nepal
BRA 10731 B	Índia	BRA 11053 B	Peru
BRA 10651	Índia	BRA 11002 A	Índia

A quantidade de sementes para as avaliações foi determinada em função da quantidade de sementes disponíveis de cada acesso. Nos BAGs - em virtude do espaço para armazenamento, das dificuldades para multiplicação das sementes com a manutenção da identidade genética, do número de acessos armazenados, da viabilidade das sementes, entre outros -, a disponibilidade de sementes costuma, com raras exceções, ser reduzida. Este fato não inviabiliza o trabalho de caracterização, já que neste estágio busca-se avaliar características determinadas por um ou poucos genes ou com alta herdabilidade. As sementes foram obtidas por, pelo menos, 4 gerações de autofecundação.

Os acessos foram avaliados quanto às seguintes características para sementes segundo a classificação preconizada por Milani (2008), adaptado de Veiga et al. (1989): padrão da semente (cor única, pintada, rajada e pontuada), cor primária da semente (coloração predominante da semente, excluída a variação), cor secundária da semente (coloração secundária da semente),

comprimento da semente (medida efetuada no sentido da rafe), largura da semente (medida transversalmente à rafe), espessura da semente (efetuada na região mediana entre as faces superior e inferior das sementes), formato das sementes (arredondada ou alongada por classificação visual) e peso de semente (peso estimado pela pesagem de 5 sementes, cuja média foi o peso individual de semente).

Para avaliação das características das plântulas, após o plantio feito em fevereiro de 2008 em recipientes plásticos de 400 ml, contendo areia, elas foram mantidas em telado e cada repetição foi constituída por um indivíduo, utilizando-se delineamento inteiramente casualizado com 5 repetições. As características das plântulas foram avaliadas de acordo com as seguintes variáveis: pigmentação de antocianina no hipocótilo, cerosidade no caule, número de dias para germinação, número de dias para emissão das folhas primárias após plantio e comprimento de raiz aos 50 dias após plantio. As análises estatísticas foram realizadas segundo Ramalho, Ferreira e Oliveira (2001).

Usou-se o teste de médias preconizado por Scott e Knot (1974).

Para coleta de folhas para extração de DNA, os acessos, após a semeadura em novembro de 2007, em recipientes plásticos de 400 ml, contendo areia, foram mantidas no telado até a obtenção do material para extração. As folhas foram coletadas e armazenadas em tubos Falcon, contendo sílica gel para absorção da umidade das folhas; após 24h, as amostras desidratadas foram transferidas para outros tubos, contendo sílica gel desidratada para conservar as folhas. O DNA genômico foi extraído, segundo protocolo 2, preconizado por Vidal et al. (2005), com algumas modificações. A quantificação do DNA foi realizada através de comparação com o padrão obtido pelo marcador lambda com concentração (25ng, 50ng e 75ng), visualizados em transiluminador ultravioleta.

Para amplificação do material genômico, foram utilizados 5 oligonucleotídeos pertencentes aos kits OPA, OPE e OPP (Operon Technologies®), sendo OPA 13 (CAGCACCCAC), OPA 18 (AGGTGACCGT), OPA 4 (AATCGGGCTG), OPE 15 (ACGCACAACC) e OPP17 (TGACCCGCCT).

A avaliação da divergência genética para caracteres morfológicos foi feita com uso do programa Genes, da Universidade Federal de Viçosa (UFV), utilizando métodos multivariados, para distância euclidiana média; posteriormente, para a análise de agrupamento, foi empregado o método de aglomeração hierárquica da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA), segundo Cruz (2008).

A análise dos dados moleculares foi baseada na presença (1) ou na ausência (0) de bandas, não se levando em consideração a intensidade das bandas. A partir dos loci analisados, foi construída uma matriz binária e realizada a análise de diferenciação genética através do

cálculo da distância genética de Nei (1978), utilizando o programa TFPGA, versão 1.3 (MILLER, 1997). Posteriormente, foi realizada a representação simplificada das distâncias, por meio de um dendrograma obtido pelo método UPGMA no programa MEGA 3, versão 3.0 (KUMAR et al., 2004).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para as características qualitativas, com relação ao formato de semente, todas as sementes foram alongadas; o padrão das sementes foi rajado em todas as sementes; a cor primária variou entre bege, branco, marrom escuro, marrom avermelhado e marrom; e a cor secundária variou entre marrom, marrom escuro e bege. Sousa (2007) avaliou 54 acessos do BAG mamona, onde algumas características qualitativas de semente, como padrão de sementes, formato de semente e cerosidade, foram semelhantes às encontradas neste trabalho.

A cerosidade no hipocótilo, característica que pode ser relacionada à tolerância da planta ao déficit hídrico (MILANI et al., 2006), só não esteve presente nos acessos BRA 3000 e BRA 10669 B.

A pigmentação de antocianina no hipocótilo foi observada em todas as plântulas. Segundo Raven et al. (2001), a antocianina pode desempenhar papel importante na defesa da planta, ou seja, plantas com presença de antocianina são mais resistentes a pragas e doenças. Anjani (2005) verificou que plantas de mamona que expressavam antocianina em toda a planta (folhas, caule, ramos, pecíolos, pedúnculos, flores, cápsulas e acúleos) apresentaram resistência a fusariose (*Fusarium oxysporum* f. sp. ricini) e a larvas de minadora (*Liriomyza trifolii*). Isto indica que esta característica deverá ser investigada em avaliações posteriores, principalmente para resistência a doenças.

Na análise de variância (Tabela 2), para as características quantitativas avaliadas observaram-se diferenças significativas entre os acessos ($P < 0,01$), exceto para comprimento de raiz. Para as características quantitativas (Tabela 3), o menor comprimento de semente foi o do acesso BRA 11053 B e o maior, do BRA 3000, 0,92 e 1,83 cm, respectivamente; a largura de semente para os acessos BRA 10634 A2 e BRA 3000, foi 0,63 e 1,34 cm respectivamente; a espessura de semente variou entre 0,47 e 0,74 cm, nos acessos BRA 10707 B e o BRA 3000, e o peso teve variação entre 0,17 e 0,83 g, entre os acessos BRA 10634 A2 e o BRA 3000, respectivamente. Na Tabela 3, segundo o teste de Scott-Knot ($P < 0,01$), para comprimento de semente, houve a formação de 5 grupos; para largura de semente, a formação de 10 grupos; para espessura de semente, 11 grupos e para peso de semente, 9 grupos.

Para o número de dias para germinação, a variação foi de 10,4 a 19,8 dias entre os acessos BRA 11061 e BRA 3000 respectivamente; o número de dias para emissão das folhas primárias após plantio teve variação entre os acessos BRA 10651C e BRA 5762A de 16,2 a 26,4 dias, o que confere uma média

de 7 dias após a germinação (Tabela 3). As velocidades de germinação e de emissão das folhas primárias são importantes características a serem avaliadas para a região Nordeste, em virtude do curto período de chuvas. Além disso, plantas com desenvolvimento inicial mais rápido sofreriam menor competição com plantas daninhas.

Tanto para dias para germinação quanto para dias para emissão das folhas primárias, houve a formação somente de dois grupos, pelo teste de Scott-Knot ($P < 0,01$), como pode ser visto na Tabela 3. Para dias para germinação, o primeiro grupo variou entre 10,4 dias e 14,4 dias e o segundo grupo, entre 17,2 e 19,8 dias. Para número de dias para emissão das folhas primárias, um dos grupos teve o período variando entre 25 e 26,4 dias e o outro, entre 16,2 e 21,8 dias. A correlação entre estas duas características foi de 0,89, significativa pelo teste t ($P < 0,01$), indicando que, em estudos futuros, poderia ser suprimida uma das duas avaliações, economizando tempo e recursos.

O comprimento da raiz pode ser um indicativo de tolerância à seca, já que em locais com menor disponibilidade hídrica a raiz se aprofundaria mais em busca de água. A variação para comprimento

TABELA 2. Resumo da análise de variância para comprimento (cm), largura (cm), espessura (cm) e peso de semente (g), número de dias para germinação e emissão das folhas primárias e comprimento de raiz de acessos de mamona do BAG da Embrapa Algodão.

Fonte de variação	GL	Quadrados Médios						
		Comp. Sem.	Larg. Sem.	Esp. Sem.	Peso sem.	Germinação	Folhas primárias	Comp. raiz
Acessos	31	0,1500**	0,0734**	0,0139**	0,0687**	23,7714**	29,8742**	22,7535 ^{ns}
Resíduo	128	0,0072	0,0002	0,0001	0,0002	5,4152	7,4547	14,2674
Média		1,1966	0,7879	0,5566	0,2886	12,7984	19,5531	16,4925
CV		7,1017	1,7703	1,7469	5,0602	18,1824	13,9636	22,9027

** Significativo pelo teste F ($P < 0,01$) e ns não significativo.

TABELA 3. Médias* para as características quantitativas avaliadas em acessos do Banco de Germoplasma de Mamona.

Acesso	Comp. semente (cm)	Larg. semente (cm)	Esp. semente (cm)	Peso semente (g)	Germinação (dias)	Fis primárias (dias)	Comp raiz (cm)
3000	1.84 a	1.34 a	0.75 a	0.83 a	19.80 a	26.00 a	13.52 a
4561 A	1.03e	0.73 g	0.55 g	0.22 g	12.40 b	18.20 b	17.04a
4502 A1	1.24 d	0.79 e	0.57 f	0.29 e	12.40 b	18.80 b	20.66 a
4502 B	1.24 d	0.76 f	0.56 g	0.28 e	13.40 b	20.00 b	19.90 a
5762 A	1.30 c	0.87 c	0.57 f	0.32 d	19.20 a	26.40 a	12.38 a
7919	1.20 d	0.76 f	0.57 f	0.28 e	12.00 b	18.50 b	17.44 a
BRS Energia	1.30 c	0.85 c	0.63 c	0.34 d	11.80 b	20.20 b	15.68 a
10863 A	1.20 d	0.82 d	0.56 g	0.29 e	13.40 b	19.60 b	13.46 a
10723 B	1.37 c	0.88 b	0.59 e	0.37 c	13.20 b	21.80 b	16.24 a
10634 A2	1.02 e	0.63 j	0.49 j	0.17 i	12.20 b	20.20 b	18.18 a
10405 A	1.21 d	0.81 d	0.56 g	0.32 d	14.00 b	19.20 b	17.48 a
10651 C	1.28 c	0.80 e	0.54 h	0.29 e	11.80 b	16.20 b	16.30 a
10472	1.06 e	0.77 f	0.54 h	0.25 f	12.40 b	19.20 b	15.50 a
10421 B	1.16 d	0.78 f	0.54 h	0.26 f	13.20 b	18.40 b	16.10 a
10731 B	1.04 e	0.69 i	0.50 j	0.20 h	11.20 b	17.00 b	18.20 a
10651 B	1.25 d	0.78 e	0.54 h	0.28 e	11.60 b	18.40 b	15.80 a
10537 B	1.11 e	0.71 h	0.55 h	0.23 g	12.60 b	20.40 b	19.16a
10596 B	1.27 c	0.84 c	0.59 e	0.30 e	12.60 b	18.40 b	14.80 a
10791 B	1.53 b	0.90 b	0.65 b	0.46 b	14.40 b	20.80 b	15.80 a
10863 B	1.19 d	0.72 h	0.53 h	0.26 f	12.20 b	16.40 b	14.70 a
10332 A	1.22 d	0.85 c	0.61 d	0.34 d	17.20 a	25.00 a	16.54 a
10499 A	1.06 e	0.69 i	0.52 i	0.21 h	12.60 b	20.00 b	17.94 a
10375 A1	0.99 e	0.69 i	0.52 i	0.20 h	10.60 b	16.40 b	21.20 a
10341 A	1.37 c	0.86 c	0.59 e	0.37 c	11.20 b	18.80 b	15.90 a
10715 B	1.09 e	0.75 f	0.53 h	0.23 g	11.60 b	19.20 b	14.40 a
10901 B	1.19 d	0.81 d	0.55 g	0.28 e	11.60 b	19.60 b	15.24 a
10669 B	1.15 d	0.76 f	0.54 h	0.24 g	12.00 b	18.60 b	18.46 a
10707 B	0.99 e	0.68 i	0.47 k	0.18 i	10.80 b	18.00 b	14.90 a
11037 A1	1.21 d	0.69 i	0.49 j	0.23 g	13.00 b	20.60 b	17.30 a
11061	1.12 e	0.72 h	0.52 i	0.22 h	10.40 b	17.00 b	18.70 a
11053 B	0.92 e	0.73 g	0.53 h	0.23 g	11.75 b	18.40 b	15.44 a
11002 A	1.15 d	0.76 f	0.54 h	0.26 f	11.00 b	20.00 b	13.40 a

*Médias seguidas da mesma letra na mesma coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Scott-Knot ($P < 0,05$)

de raiz aos 50 dias após plantio (Tabela 3) foi de 12,38 a 21,2 cm, entre os acessos BRA 10651 C e BRA 10375 A1. Não houve formação de grupos pelo teste de Scott-Knot para esta característica.

A divergência genética foi estimada a partir da Distância Euclidiana Média, onde a maior distância foi de 4,59, observada entre os acessos BRA 3000 e BRA 10375 A1, e a menor distância, 0,26 entre BRA 10472 e BRA 10715 B. O dendrograma formado baseado nas medidas de dissimilaridade levou à obtenção de 4 grupos. Costa et al. (2006), através do cálculo da Distância Euclidiana Média, não identificou diversidade nos acessos de mamona avaliados.

Os acessos BRA 5762 A e BRA 10332 A formaram um mesmo grupo, apresentando similaridade em 9 das 13 características avaliadas, sendo próximo do acesso BRA 3000, por apresentar semelhança no padrão e no formato de semente, presença de antocianina, germinação e emissão das folhas primárias tardias. Os acessos BRS Energia, BRA 10341 A, BRA 10723 B e BRA 10791 B foram semelhantes por apresentarem o mesmo padrão e formato de sementes, cor primária e secundária, sementes de tamanho e peso médios, presença de cera e antocianina; ficando a BRS Energia e a BRA 10341 A no mesmo grupo, por apresentarem precocidade na germinação. Os demais acessos do grupo tiveram germinação e emissão das folhas primárias e comprimento de raiz medianos (Figura 1). O BRA 10472 e o BRA 10707 B foram os acessos que se mantiveram no mesmo grande grupo, sendo distantes em cor secundária, dias para germinação, folhas primárias e comprimento de raiz e semelhantes em padrão e formato da semente, cor primária, comprimento, largura, espessura e peso de semente, pigmentação de antocianina e cerosidade (Figura 1).

Os acessos se agruparam em 4 grupos distintos independente de sua origem, sendo

78% dos genótipos analisados encontrados no grupo I, 13% no grupo II, 6% no grupo III e 3% no grupo IV (Figura 1).

A partir dos cinco oligonucleotídeos utilizados, 57 regiões genômicas foram obtidas (Tabela 4), tendo os oligonucleotídeos OPA 4 e OPA 13 gerado o maior e o menor número de bandas, correspondendo a 20 e 7, respectivamente. O oligonucleotídeo OPA 4 apresentou o maior índice de polimorfismo (35,08%), enquanto que o OPA 13 apresentou o menor polimorfismo (12,30%) de um total de 57 bandas de RAPD. A proporção de loci polimórficos correspondeu a cerca de 96,5% do total, correspondendo a 55 bandas polimórficas. A dimensão dos fragmentos amplificados situou-se entre 415pb e 2500 pb.

A diferenciação genética entre os acessos foi estimada a partir da distância genética de Nei (1978). A maior diferenciação genética (1,09) foi observada entre os acessos BRA 10405 A e BRA 10707 B, e a menor diferenciação (0,05) entre BRA 10634 A e BRA 10651 C.

Os acessos se agruparam em 9 grupos distintos independente de sua origem, sendo 3% dos genótipos no grupo I, 19% dos genótipos analisados encontrados no grupo II, 35% no grupo III, 9% no grupo IV, 3% no grupo V, 22% no grupo VI e 3% nos grupos VII, VIII e IX (Figura 2).

Considerando-se os dados morfológicos obtidos, o dendrograma para características quantitativas e o dendrograma obtido pelos dados moleculares, verifica-se que ocorreu uma concordância dos resultados. Apesar da formação de número de grupos diferentes pelas duas metodologias, em ambas, o acesso BRA 3000, morfológicamente distinto dos demais, formou um grupo único; a cultivar BRS Energia ficou no mesmo agrupamento que o acesso BRA 10341 A; o grupo I formado pelos marcadores

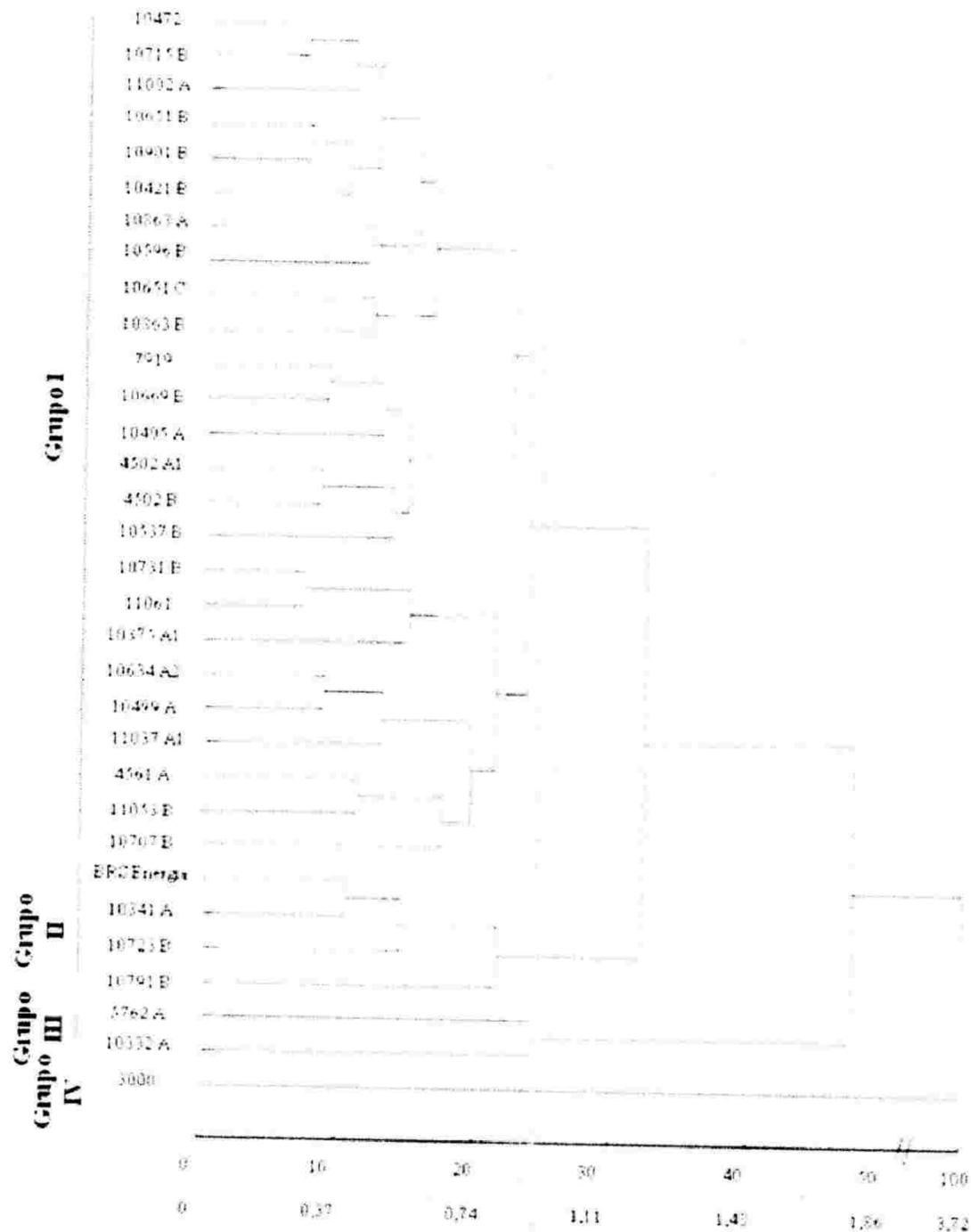


FIG. 1. Dendrograma dos 32 acessos de *Ricinus communis* L., obtido para características quantitativas, utilizando o método de agrupamento UPGMA, através da distância e-uclidiana média.

moleculares está dentro do grupo I formado pelos marcadores morfológicos.

Deve ser salientado também que a distância genética, estimada por meio de marcadores RAPD, baseia-se em um conjunto de fragmentos aleatórios de DNA; portanto, constituem uma amostra do genoma. Conseqüentemente, os

fragmentos amostrados podem não se referir necessariamente aos caracteres avaliados morfológicamente.

De maneira geral, a dissimilaridade entre os genótipos foi baixa, mostrando que apesar de formarem agrupamentos distintos, os acessos são muito parecidos entre si. Na figura 2,

TABELA 4. Identificação dos oligonucleotídeos e número de bandas totais e polimórficas.

Oligonucleotídeos	Nº de bandas	Nº de bandas polimórficas	Tamanho dos fragmentos em pb
OPA13	7	7	720-2500
OPA18	10	9	820-1800
OPA4	20	20	450-2200
OPE15	9	9	480-1200
OPP17	11	10	415-2000
Total	57	55	-

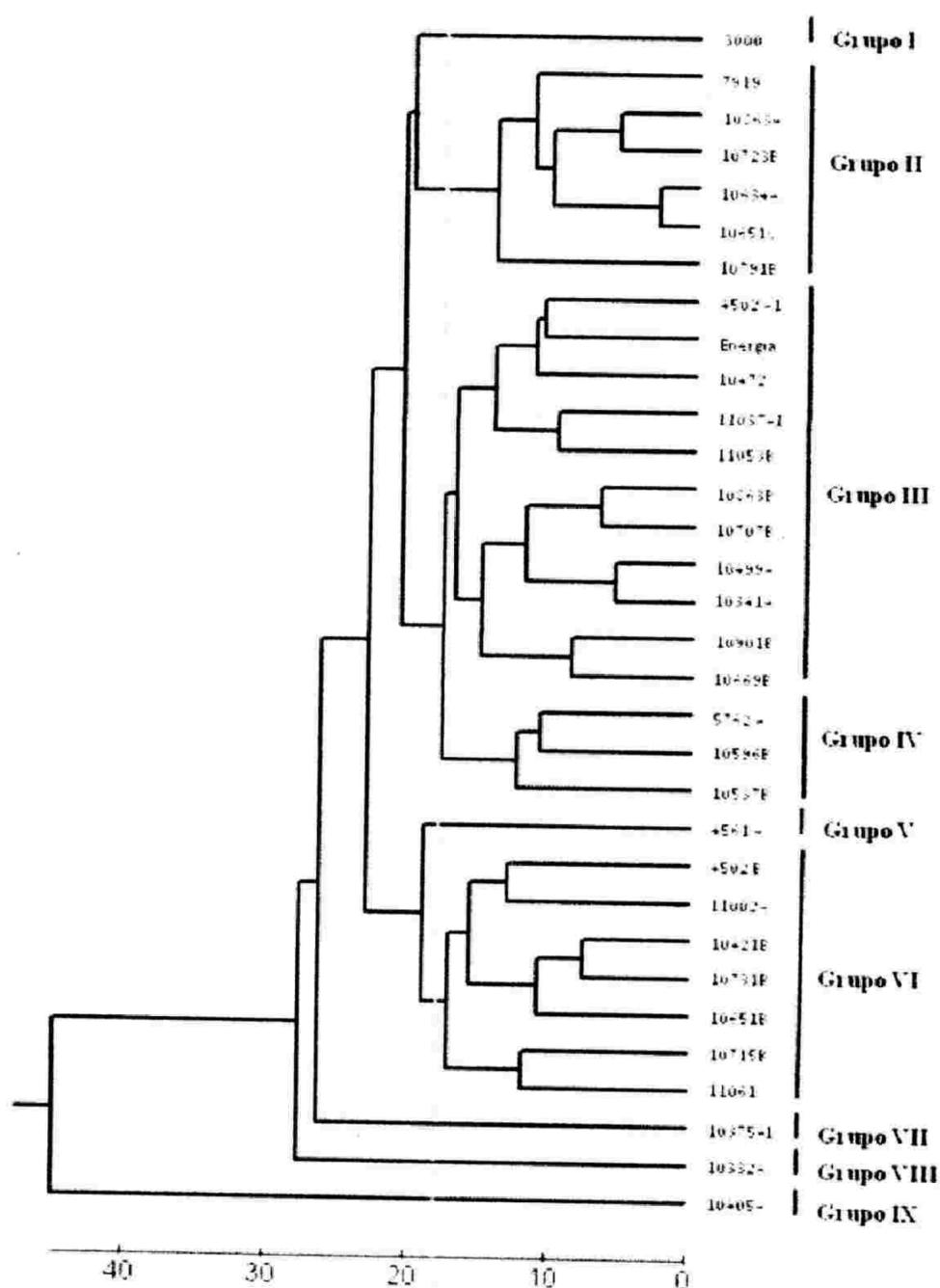


FIG 2. Dendrograma dos 32 acessos de *Ricinus communis* L., obtido para caracteres moleculares, utilizando o método de agrupamento UPGMA, através da distância genética de Nei.

observa-se que a dissimilaridade entre o grupo I e o grupo II foi menor do que 30% e a distância máxima entre os grupos formados pelos marcadores foi de 40%.

Em termos de escolha de genótipos para iniciar um programa de melhoramento, deve-se buscar genitores divergentes, contudo esta divergência deve ser obtida principalmente em relação aos caracteres morfológicos de interesse. Assim, os genótipos BRA 3000 e BRA 10375 A1 foram os que mais divergiram pela análise morfológica e os genótipos BRA 10405 A e BRA 10707 B foram os mais distantes, pela análise molecular, e devem ser testados em cruzamentos para avaliação das populações segregantes e possível obtenção de heterose

CONCLUSÕES

1. Os acessos avaliados mostraram diferenças entre si, tanto com o uso de marcadores morfológicos quanto com o uso de marcadores moleculares.

2. As metodologias utilizadas foram eficientes em representar a distância morfológica entre os genótipos avaliados.

3. A quantificação da divergência, com base nos marcadores moleculares e morfológicos, agrupa com consistência os acessos, permitindo a formação de grupos distintos.

4. Os genótipos BRA 3000 e BRA 10375 A1 foram os que mais divergiram pela análise morfológica e os genótipos BRA 10405 A e BRA 10707 B foram os mais distantes, pela análise molecular, e devem ser testados em cruzamentos para avaliação das populações segregantes e possível obtenção de heterose.

5. Há convergência entre os resultados obtidos por marcadores morfológicos e moleculares para os acessos e métodos avaliados.

REFERÊNCIAS

ANJANI, K. Purple-coloured castor (*Ricinus communis* L.) A rare multiple resistant morphotype. *Current Science*, v. 88, n. 2, p. 215-216, 2005.

BAHIA, H. F.; SILVA, S. A.; FERNANDEZ, L. G.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F. C. Divergência genética entre cinco cultivares de mamoneira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 43, n. 3, p. 357-362, 2008.

COSTA, M. N da; PEREIRA, W. E.; BRUNO, R. de L. A.; FREIRE, E. C.; NOBREGA, M. B. de M.; MILANI, M.; OLIVEIRA, A. P. Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 41, n. 11, p. 1617-1622, nov. 2006.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: diversidade genética**. Viçosa, MG: UFV, 2008. 278 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. Viçosa, MG: UFV, 2006. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.

KUMAR, S.; TAMURA, K.; NEI, M. MEGA 3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics*, v. 5, p. 150-163, 2004.

LAKSHMAMMA, P.; PRAYAGA, L.; MOHAN, Y. C.; LAVANYA, C. Genetic variability an character association in castor (*Ricinus communis* L.) *National Journal of Plant Improvement*, v. 7, n. 2, p. 122-126, 2005.

LAKSHMAMMA, P.; REDDY, A. V. V.; MOHAN,

- Y. C. Divergence studies in castor (*Ricinus communis* L.). **National Journal of Plant Improvement**, v. 4, n. 2, p. 23-25, 2002.
- MILACH, S. C. K. Marcadores moleculares nos recursos genéticos e no melhoramento de plantas. In: QUEIROZ, M. A. de; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Versão 1.0. Petrolina: Embrapa Semi-Árido; Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, nov. 1999. Disponível em: < <http://www.cpatsa.embrapa.br> > . Acesso em: 12 jul. 2008.
- MILANI, M. **Descritores de mamona utilizados pela Embrapa Algodão**. Campina Grande: Embrapa Algodão. 2008. 39 p. (Embrapa Algodão. Documentos, 192).
- MILANI, M.; NÓBREGA, M. B. M.; AMARAL, J. G.; ZANOTTO, M. D.; CARVALHO, J. M. F. C.; VIDAL, M. S.; LUCENA, W. A. Melhoramento, cultivares e biotecnologia. In: SEVERINO, L. S.; MILANI, M.; BELTRÃO, N. E. de M. (Ed.). **Mamona: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. Brasília, D.F.: Embrapa Informação Tecnológica, 2006. p. 153-170.
- MILLER, M. P. **Tools for populations genetic analyses (TFPGA) 1.3**. A windows program for analysis of allozyme and molecular populations genetic data. 1997. Computer software distributed by authors.
- NEI, M. Genetic distance between populations. **American Naturalist**, v. 106, p. 283-292, 1978.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2001.
- RAVEN, P. H.; EVERT, R. F.; EICHHORN, S. E. **Biologia vegetal**. 6. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2001. 906 p.
- SCOTT, A. J.; KNOT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 2, n. 3, p. 507-512, 1974.
- SOUSA, R. de L. **Caracterização de acessos do BAG mamona (*Ricinus communis* L.) da Embrapa Algodão**. 2007. 101 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande, PB. 2007.
- TREUREN, R. van; ENGELS, J. M. M.; HOESKSTRA, R.; HINTUN, T. J. L. van Optimization of the composition of crop collections for *ex situ* conservation. **Plant Genetic Resources: characterization and utilization**, v. 7, n. 2, p. 185-193, 2009.
- VEIGA, R. F. de A.; SAVY FILHO, A.; BANZATTO, N. V. **Descritores mínimos para caracterização e avaliação de mamoneira (*Ricinus communis* L.) aplicados no Instituto Agrônomo**. Campinas, SP: Instituto Agrônomo. 1989. 16 p.
- VIDAL, M. S.; MILANI, M.; MENESES, C. H. S. G.; BEZERRA, C. de S. **Comparação entre protocolos para extração de DNA total de *Ricinus communis* L.** Campina Grande: Embrapa Algodão, 2005. 5 p. (Embrapa Algodão. Comunicado Técnico, 252).